



TITLE:

# 海洋微生物生態系における種間相互作用の研究

AUTHOR(S):

金子, 博人

---

CITATION:

金子, 博人. 海洋微生物生態系における種間相互作用の研究. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2019, 2018: 35-35

ISSUE DATE:

2019-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/241162>

RIGHT:

## 平成 30 年度 京都大学化学研究所 スーパーコンピュータシステム 利用報告書

### 海洋微生物生態系における種間相互作用の研究 Analysis of interspecific interactions in marine microbial ecology

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター 化学生命科学領域 金子博人

#### 研究成果概要

本年度私は、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、生物炭素ポンプを駆動する海洋ウイルスの探索を行った。

生物炭素ポンプは、地球規模の炭素循環を形成する経路のひとつである。この経路では、大気中の二酸化炭素が光合成によって有機炭素に変換された後に、その有機炭素が深海に沈降する粒子に変換されることにより、炭素が大気中から深海へと輸送される。どの生物がどのように生物炭素ポンプを駆動しているかを知ることは、地球規模の気候変動を評価する観点から非常に重要である。とりわけ、海洋ウイルスと生物炭素ポンプの関係は、いくつかの実験や理論から予想されているが、未だその全体像は不明である。私は、海洋ウイルスの中でも核細胞質性大型 DNA ウイルス (NCLDV) に着目し、生物炭素ポンプとの関係を地球規模のメタゲノムデータを利用して調査した。

具体的には、タラ号海洋探査プロジェクトで得られた地球の海洋全体を網羅した海洋メタゲノムを使用して、スーパーコンピュータを用いた解析を行った。その結果、NCLDV の存在量プロファイルのみから、炭素移出フラックスの分散の 50% 弱を説明できることを明らかにした。このことは、NCLDV のいくつかの系統が生物炭素ポンプの駆動に関係していることを強く示唆している。さらに、NCLDV が生物炭素ポンプに貢献するメカニズムとして、宿主の凝集を促すことが考えられるが、この宿主の凝集の情報を海洋メタバーコードから抽出する新手法も考案し、その有効性をスーパーコンピュータによる解析により確認した。本手法は、生物炭素ポンプとウイルス感染の関係のメカニズムを理解するために今後利用できるものと考えられる。

発表論文 (謝辞あり)

発表論文 (謝辞なし)

本年度は共になし。